



Overvågning af Influenza A virus i svin 2017

Krog, Jesper Schak; Hjulsager, Charlotte Kristiane; Larsen, Lars Erik

Publication date:
2017

Document Version
Version created as part of publication process; publisher's layout; not normally made publicly available

[Link back to DTU Orbit](#)

Citation (APA):
Krog, J. S., Hjulsager, C. K., & Larsen, L. E. (2017). *Overvågning af Influenza A virus i svin 2017*. Danmarks Tekniske Universitet (DTU).

General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

Overvågning af Influenza A virus i svin 2017.

Af: Jesper Schak Krog, Charlotte Kristiane Hjulsager, Lars Erik Larsen. DTU-Veterinærinstituttet.

Opsummering:

Der er i 2017 gennemført en systematisk, prospektiv, passiv overvågning af cirkulerende influenzavirus subtyper i danske svin. Det overordnede formål med overvågningen var at identificere hvilke influenzavirus subtyper og stammer, der cirkulerer blandt danske svin, og at kortlægge sygdomsårsager i svinepopulationen med henblik på at sikre det strategiske mål: at mindske antibiotikaforbruget i danske svinebesætninger.

Overvågningen bestod i:

- 1) Undersøgelse for influenzavirus vha. pan-influenza A virus real time RT-PCR på brugerbetalte diagnostiske indsendelser til influenzavirusundersøgelse på DTU-VET
- 2) Test af influenzavirus positive prøver for pandemisk H1N1 (H1N1pdm09) ved real time RT-PCR der specifikt detekterer HA-genet i H1N1pdm09 virus
- 3) Implementering af ny metode til subtypning af influenza, baseret på real time PCR i stedet for sekventering.
- 4) Subtypning af indsendelser ved real time PCR (HA og NA generne)
- 5) Isolation af virus i MDCK celler
- 6) Komplet genom karakterisering af udvalgte virusisolater

Der blev totalt i 2017 iværksat undersøgelse for influenza A virus på 1090 prøver fordelt på 469 indsendelser fra 362 besætninger. I alt havde 240 (51 %) af indsendelserne minimum en positiv prøve, disse repræsenterede 195 forskellige besætninger. Indsendelserne fordelte sig over hele landet og over hele året. Der var flest indsendelser til undersøgelse i vinterhalvåret, men influenza virus blev påvist med næsten samme hyppighed hele året.

I alt blev 147 influenzavirus positive indsendelser subtypet vha. real time RT-PCR . Disse analyser viste, at de to mest almindelige subtyper i danske svin i 2017 var den danske variant af H1N2 og H1N1pdm09. Prævalensen af det almindelige svineinfluenzavirus "avian-like swine" H1N1 var ligesom i 2015 og 2016 meget lav. Det influenzavirus af subtypen H3N2, der har cirkuleret i Danmark siden 1990, men med meget lav prævalens de senere år, blev ligesom i 2015 og 2016 ikke påvist i 2017. Den centraleuropæiske variant af H1N2, der har et human-like HA gen, er stadig ikke påvist i danske svin.

Virus med subtypen H1pdm09 blev påvist i 49 indsendelser fra 43 besætninger og udgjorde således 20 % af de influenzavirus positive indsendelser. Dette er på niveau med 2015 og 2016. Hos mennesker dominerede H3N2 influenza sæsonen i 2016/17 og 2017/18 sæsonen.¹

1 <http://www.ssi.dk/Aktuelt/Nyhedsbreve/INFLUENZA-NYT.aspx>

Det humane N2 gen blev igen påvist i 2017 idet subtyperne H1N2hu og H1pdm09N2hu blev hver påvist i 2 besætninger i 2017. Til gengæld er H3huN2sw med et humant H3 fra 2005 ikke blevet påvist i 2017, men dette virus er påvist i 2018. Dette virus blev første gang påvist i 2013. Det interessante ved dette virus er, at det er en triple-reassortment, hvor alle de interne gener stammer fra H1N1pdm09 subtypen, mens N2 stammer fra H3N2/H1N2 fra svin, og H3 er af human oprindelse. Detaljerede antigene analyser foretaget af

samarbejdspartnere i USA, har påvist at dette virus har stor lighed med humane vaccinstammer anvendt efter 2009, men udviser stor forskel til humane H3 stammer isoleret før 2009. Endvidere må det formodes, at hele den danske svinepopulation vil være fuldt modtagelige, da prævalensen af H3 virus har været meget lav i Danmark de senere år. Tilmed viser undersøgelser, at antistoffer dannet mod de kommercielle vacciner, der anvendes i Danmark, har meget begrænset krydsreaktion til dette virus.

Resultaterne fra overvågningen er vigtige i forhold til såvel zoonotiske som veterinære aspekter ved influenza A virus infektion i svin i Danmark. Undersøgelserne har bekræftet at H1N1pdm09, som stadig må betragtes som en zoonose, nu er etableret i den danske svinepopulation, hvor den cirkulerer uafhængigt af den humane influenzavirussæson. Overvågningen har endvidere påvist adskillige nye virus reassortments, hvor gener fra H1N1pdm09 indgår. Bl.a. tyder det på, at H1N2 virus med interne gener fra H1N1pdm09 har etableret sig i den danske svine population. Der er global bevågenhed omkring svineinflenzavirus med interne gener fra H1N1pdm09, da der i flere tilfælde er vist smitte med sådanne virus til mennesker, fx H3N2v i USA. Overvågningen har bidraget til, at vi tidligt har påvist nye virus med zoonotisk potentiale: H3hu05N2sw og H3hu16N2sw. Dette betyder, at der kan foretages en nærmere genetisk og biologisk karakterisering af dette virus, hvilket kan danne evidens-baseret baggrundsviden for risikohåndteringen, i det tilfælde at der konstateres human smitte med dette virus. Den fremtidige overvågning vil bl.a. have fokus på at undersøge, om disse virus bliver etableret i danske svin.

Fra et veterinært synspunkt er det vigtigt at få fastlagt hvilke(n) subtype(r), der cirkulerer i en besætning, da valg af vaccine er afhængig af denne information. Det er derfor positivt, at der, trods et lille fald i år, over de senere år er sket en stigning i antal indsendelser til influenzapåvisning i Danmark, da det øger muligheden for at vaccinere korrekt og derved nedbringe risikoen for antibiotikakrævende sekundære infektioner. Det er også positivt at den H1N2 subtype (med human-like HA-gen), der er dominerende i andre dele af Europa, stadig ikke findes i Danmark. Introduktion af dette virus kan frygtes at få epizootisk karakter, da immuniteten i populationen mod dette virus forventes at være meget lille, da kun søer er vaccineret.

Det kan konkluderes, at den iværksatte overvågning har givet et godt indblik i hvilke influenza A virus, der cirkulerer i danske svin, og at denne information dagligt bruges proaktivt ved håndtering af sygdom i danske svinebesætninger. Overvågningen har endvidere vist, at virus med nye gen kombinationer er blevet etableret i danske svin, og der bør de kommende år holdes øje med, om disse virus smitter til mennesker.